

CeMEB - Scientific Day (March 18th, 2022)

Scientific basis of Exploratory Research projects (call for projects 2017 – no.2)

9:20-9:40	PI Patrice David	Unit CEFE
Partners	Christoph Grunau	IHPE
EPID	Epigénétique de la dépression de consanguinité EPigenetics of Inbreeding Depression	
Key words	épi-GBS, mollusques d'eau douce, dépression de consanguinité, méthylome	
Abstract	<p>Notre projet visait à établir les bases d'une étude sur l'épigénétique de la dépression de consanguinité ; nous nous sommes focalisés pour cela sur un modèle biologique : les mollusques d'eau douce. Notre collaboration a permis d'une part de mettre au point une technique de mesure de la variation épigénomique chez les mollusques sur la base d'un séquençage partiel du génome (epi-GBS), et de valider sa capacité à détecter des variations du méthylome liées à des traitements chimiques, et associées à des variations phénotypiques épigénétiques transmises aux descendants de 1^e génération. D'autre part nous avons montré chez l'escargot modèle <i>Physa acuta</i> que la dépression de consanguinité peut se régénérer si rapidement (en quelques générations), à partir de génomes identiques au départ, que cette vitesse semble incompatible avec l'accumulation de mutations génétiques et suggère fortement l'implication de variations épigénétiques. Ces travaux ouvrent des perspectives intéressantes sur un rôle de l'épigénétique dans un des mécanismes les plus fondamentaux de la génétique évolutive.</p> <p>The aim of our project was to initiate a study on the epigenetic contributions to inbreeding depression, focusing on freshwater molluscs as model systems. Thanks to our collaboration, we developed a technique to measure epigenomic variation based on reduced-representation bisulfite sequencing (epi-GBS) on freshwater molluscs, and validated its ability to detect chemically imposed changes in methylations in the genome, that induced phenotypic changes transmitted to offspring. In addition we showed in the model snail <i>Physa acuta</i> that inbreeding depression can regenerate itself extremely fast starting from genetically identical genomes ; a speed that seems incompatible the accumulation of genetic mutations and strongly suggests the involvement of epigenetic changes. Our work opens fascinating perspectives on the possible role of epigenetics in one of the most fundamental mechanisms in evolutionary genetics.</p>	

9:40-10:00	PI Pierre-Olivier Cheptou	Unit CEFE
Partners	Éric Imbert	ISEM
RAPADAPT	Adaptation rapide face aux changements globaux : rôle de l'épigénétique Rapid adaptation of plants to global change: exploring the role of epigenetics	
Key words	Evolution rapide-Ecologie de la résurrection-Cyanus segetum-Epigénétique	
Abstract	<p>L'adaptation rapide remet en question la vision classique selon laquelle l'évolution est un processus lent. Cela suggère que des mécanismes, indépendants de la variation de la séquence d'ADN, c'est-à-dire des facteurs épigénétiques, peuvent jouer un rôle dans l'adaptation à court terme. En utilisant la méthodologie de l'écologie de la résurrection chez <i>Cyanus segetum</i> (bleuet), nous avons analysé l'évolution rapide des principaux traits d'histoire de vie au cours des dernières décennies, dans trois populations/localités, dans un jardin commun. Nous avons également analysé le lien entre les traits et valeur sélective pour tester si les changements évolutifs peuvent sauver les populations (evolutionary rescue). Enfin, nous avons analysé le rôle de l'épigénétique dans le potentiel adaptatif des populations en mesurant la contribution de l'épigénome grâce à la technique RRBS et au séquençage du génome développé par la plateforme MGX (Montpellier) et Gentyane (INRAE Clermont-ferrand).</p> <p>Rapid adaptation challenges the classical view that evolution is a slow process. This suggest that mechanisms, independent of DNA sequence variation i.e epigenetic factors may play a role in short-term adaptation. Using resurrection ecology methodology in <i>Cyanus segetum</i> (cornflower), we have analyzed the rapid evolution of major life history traits in the last decades, from 3 locations, in a common garden setting. We have also analyzed the link between traits and individual fitness to test if evolutionary changes can rescue populations (evolutionary rescue). Finally, we have analyzed the role of epigenetics in the adaptive potential of populations by measuring the contribution of the epigenome thanks to the RRBS and genome sequencing developed by MGX platform (Montpellier) and Gentyane (INRAE Clermont-ferrand).</p>	

10:00-10:20	PI	Unit
	Catherine Lorin-Nebel	MARBEC
Partners	Céline Cosseau	IHPE
SALSA	Identification de nouveaux marqueurs d'étude des réponses différentielles à la salinité chez un téléostéen euryhalin <i>Dicentrarchus labrax</i> Identification of novel mechanisms to study differential responses to salinity stress in the euryhaline teleost <i>Dicentrarchus labrax</i>	
Key words	Salinity stress, DNA methylation, Telomere length, Inter-individual variability, phenotypic plasticity	
Abstract	<p>L'étude des mécanismes d'acclimatation à la salinité est importante pour évaluer l'effet de stress environnementaux sur les populations naturelles et la fitness individuelle. Les lagunes Méditerranéennes sont caractérisées par des fluctuations importantes de salinité, allant de l'eau douce à l'eau hypersalée. Le loup ou bar (<i>Dicentrarchus labrax</i>) est une espèce euryhaline présentant une variation intraspécifique dans la tolérance à la dessalure. En milieu naturel, certains individus restent en mer alors que d'autres migrent vers les lagunes dessalées. Cette différence d'occupation des habitats pourrait être liée à une plasticité phénotypique dans les réponses physiologiques à une dessalure, elle-même liée à une divergence génétique et/ou épigénétique. Ce projet vise à étudier les réponses phénotypiques des juvéniles de lous transférés en eau douce et d'identifier des marqueurs nouveaux permettant de mieux comprendre la variabilité intraspécifique observée. L'étude des mécanismes épigénétiques sera effectuée pour mieux comprendre le lien entre les marqueurs épigénétiques et la variabilité phénotypique induite par un stress osmotique.</p> <p>It is crucial to better understand mechanisms of salinity acclimation in order to evaluate how environmental stress affects natural populations and individual fitness. Mediterranean lagoons are characterized by strong fluctuations of salinity, ranging from fresh water up to hypersaline water. In the euryhaline European sea bass <i>Dicentrarchus labrax</i>, a variation in patterns of habitat use has been recorded, with some fish entering lagoons while others remain at sea. This difference may be achieved through more or less phenotypic responses to salinity stress mediated at genetic and/or epigenetic levels. This study investigates responses of sea bass challenged to fresh water in order to unravel mechanisms of freshwater acclimation and to identify novel markers that are linked to inter-individual variation in salinity tolerance. Through this study, we will investigate the interplay between environmentally-induced phenotypic variation and epigenetic mechanisms.</p>	

10:55-11:15	PI Eve Miguel	Unit MIVEGEC
Partners	Simon Chamailé-Jammes	CEFE
WHISHES	<p>Diversité de la faune sauvage: Comment l'estimer et détecter les pathogènes au sein de ces populations ?</p> <p>Wild Host dIverSity: How to Estimate and detect pathogenS?</p>	
Key words	réseaux d'interactions, ongulés sauvages, fièvre aphteuse, anticorps, virus à Arn, cartographie du risque	
Abstract	<p>Le projet WHISHES a étudié la communauté d'hôtes sauvages sensibles au virus de la fièvre aphteuse, au sein d'un écosystème de savane africaine au Zimbabwe entre 2018 et 2020. Nous avons caractérisé sous forme d'analyses réseaux les interactions entre espèces d'ongulés sauvages au sein du parc national de Hwange et à sa périphérie grâce à l'analyse de bases de données de comptages historiques mais également au déploiement de pièges photographiques sur le terrain. Nous avons caractérisé l'évolution de ces communautés d'hôtes sauvages dans le temps, dans l'espace, en fonction de la pluviométrie, de la végétation et de la présence de l'espèce majoritaire de cet écosystème ; l'éléphant de savane. Nous avons également mis au point des méthodes de détection (i) des anticorps anti-fièvre aphteuse et (ii) des virus à ARN dans les fécès des grands herbivores africains. Afin nous avons réalisé une cartographie du risque pour le virus de la fièvre aphteuse dans le parc national de Hwange en fonction des résultats de nos études.</p> <p>The WHISHES project studied the wild ungulate community susceptible to FMD virus in an African savannah socio-ecosystem (Zimbabwe) between 2018 and 2020. Using historical count databases but also data generated through the deployment of camera traps in the field, we characterized the networks of interactions among ungulate species inside the Hwange National Park and at its periphery. We characterized the frequency of these interactions over time, space, as a function of rainfall, vegetation. We also explored whether the presence of the most abundant species of this ecosystem, the savannah elephant would modify the pattern of interaction among the other species. Finally, we developed methods to detect (i) foot-and-mouth disease antibodies and (ii) RNA viruses in the feces of large African herbivores. As a synthesis we produced a risk mapping of the foot-and-mouth disease virus occurrence inside the National Park based on the results of our studies.</p>	

11:15-11:35	PI Franck Prugnolle	Unit MIVEGEC
Partners	Richard Galinier	IHPE
CONVERGE	<p>Evolution convergente chez les agents de la malaria de grands singes : du génotype au phénotype</p> <p>Convergent evolution in ape malaria agents : from genotype to phenotype</p>	
Key words	Adaptation, synthetic biology, biochemistry, protein-protein interactions	
Abstract	<p>La convergence évolutive est le processus par lequel différentes espèces présentent des caractères similaires (analogies) qui n'ont pas été hérités d'un ancêtre commun mais ont été acquis par une adaptation indépendante à un environnement similaire. Chez les agents du paludisme infectant les grands singes, la capacité à infecter les gorilles ou les chimpanzés a évolué plusieurs fois de manière indépendante au cours de l'histoire. Certaines analyses génétiques ont révélé que la protéine RH5, une protéine ligand clé impliquée dans l'invasion des globules rouges de l'hôte, présente plusieurs positions présentant des analogies (c'est-à-dire des acides aminés spécifiques des espèces parasitaires infectant les gorilles et des acides aminés spécifiques de celles infectant les chimpanzés). Le nombre de positions présentant des analogies dans ce gène est significativement plus élevé que celui attendu par une évolution neutre, suggérant un rôle de la sélection dirigée par l'hôte dans l'évolution de ces analogies. L'objectif du présent projet est maintenant de tester formellement le rôle de ces deux positions dans l'adaptation à l'hôte. Pour cela, nous utiliserons des outils de biologie cellulaire et de biochimie pour tester l'effet de ces mutations sur l'affinité de liaison de cette protéine au récepteur des différentes espèces d'hôtes.</p> <p>Evolutionary convergence is the process by which different species display similar characters (analogies) that have not been inherited from a common ancestor but were acquired by independent adaptation to a similar environment. In malaria agents infecting great apes, the ability to infect gorillas or chimpanzees has evolved several times independently in the history. Some genetic analyses have revealed that the protein RH5, a key ligand protein involved in the invasion of the red blood cells of the host, display several positions with analogies (i.e. amino-acids specific of the parasite species infecting gorillas and amino-acids specific of those infecting chimpanzees). The number of positions showing analogies in this gene is significantly higher than expected by neutral evolution, suggesting a role of the host-driven selection in the evolution of these analogies. The aim of the present project is now to formally test the role of these two positions in the adaptation to the host. For that, we will use tools of cellular biology and biochemistry to test the effect of these mutations on the binding affinity of this protein to the receptor of the different host species.</p>	

11:35-11:55	PI	Unit
	Jean-Michel Escoubas	IHPE
Partners	Jean-Christophe Avarre & Olivier Kaltz	ISEM
HAPLOFIT	<p>Rôle des haplotypes viraux dans la fitness du virus.</p> <p>Role of viral haplotypes in viral fitness.</p>	
Key words	<p>Herpesvirus; OsHV-1; huitre creuse; phylogeography; genomes non-redondants; diversité génétique; variants majoritaires et minoritaires</p>	
Abstract	<p>La diversité génétique des populations virales est une clé pour comprendre l'histoire de la diffusion spatiale et temporelle des virus, mais l'étude de la diversité des génomes entiers au sein de populations naturelles reste un défi. Les approches phylodynamiques sont couramment utilisées pour les virus à ARN hébergeant de petits génomes, mais n'ont été que rarement appliquées aux virus à ADN à grand génomes. Ici, nous avons utilisé le syndrome de mortalité de l'huître du Pacifique, une maladie qui affecte les fermes ostréicoles du monde entier, comme modèle pour étudier la diversité génétique de son agent causal, l'Ostreid herpesvirus 1 (OsHV-1 μVar). En combinant la quantification des variants majeurs et mineurs, l'analyse phylogénétique et la reconstruction de l'état ancestral, nous avons évalué la connectivité des populations virales OsHV-1 entre les trois principales zones ostréicoles Françaises. Nos résultats suggèrent que la baie de Marennes-Oléron représente la principale source de diversité d'OsHV-1, d'où le virus s'est dispersé vers d'autres zones d'élevage, un scénario cohérent avec les pratiques culturelles actuelles.</p> <p>The genetic diversity of viral populations is a key to understanding the spatial and temporal diffusion history of viruses, but studying the diversity of whole genomes from natural populations remains a challenge. Phylodynamic approaches are commonly used for RNA viruses harboring small genomes, but have only rarely been applied to DNA viruses with larger genomes. Here, we used the Pacific oyster mortality syndrome, a disease that affects oyster farms around the world, as a model to study the genetic diversity of its causative agent, the Ostreid herpesvirus 1 (OsHV-1). Combining quantification of major and minor variants, phylogenetic analysis and ancestral state reconstruction approaches; we assessed the connectivity of OsHV-1 viral populations between the three main French oyster-farming areas. Our results suggest that the Marennes-Oléron Bay represents the main source of OsHV-1 diversity, from where the virus has dispersed to other farming areas, a scenario consistent with current practices in oyster farming.</p>	

11:55-12:25	PI Rémy Froissart	Unit MIVEGEC
Partners	Guillaume Martin	ISEM
Bact-Phi	<p>Sauvetage évolutif de populations bactériennes face à des stress imposés par des bactériophages et des antibiotiques (seuls ou combinés).</p> <p>Evolutionary rescue of bacterial populations facing bacteriophages, antibiotics and a combination of both stresses</p>	
Key words	Time-kill curve, minimum-inhibitory antibiotic concentration (MIC), bacteriophage, Ampicilin.	
Abstract	<p>Pour estimer et modéliser la démographie de bactéries soumises à des stress létaux (ampicilline et phages T7), nous avons conçu un système de mesure à haut débit permettant de suivre conjointement les cellules vivantes et mortes et la biomasse totale. Les signaux de fluorescence (biomasse totale) et luminescence (vivants) se sont révélés consistants entre eux validant la méthode. La mesure des morts est plus complexe, bien que sensible et qualitativement cohérente avec les deux autres : elle nécessitera des améliorations. Pour le traitement antibiotique, les modèles classiques ne s'ajustaient pas bien aux observations. Il apparaît (i) que la construction d'un phénotype intermédiaire causant la mort doit être ajoutée et (ii) qu'une mort indépendante des divisions doit être considérée en plus du mécanisme classique pour les antibiotiques betalactams. Pour le traitement par phages T7, le modèle classique sensible/infecté/phage amène à sous-estimer la burst-size et le temps de lyse : une modification du mécanisme d'adsorption semble nécessaire a minima.</p> <p>In order to estimate and model the demography of bacteria facing lethal stressors (ampicillin and bacteriophages), we designed a high throughput empirical system to jointly follow live and dead bacterial cells and total biomass. The luminescence (live cells) and fluorescence signals (biomass) were quantitatively consistent, suggesting the method is valid. The measurement of dead cells is more complex, although it is qualitatively consistent with the two others: it will require adjustments. For antibiotic stress, classic models did not fit the data well enough. It appears that (i) the build up of an intermediate phenotype, ultimately causing death, must be added and (ii) a division-independent death process must be added to the classic death at division mechanism assumed for betalactam antibiotics. For the phage treatment, the classic susceptible/infected/phage model tends to underestimate the burst size and lysis time: a modification of the adsorption mechanism seems required a minima.</p>	

14:00-14:20	PI Karen McCoy	Unit MIVEGEC
Partners	Rémi Choquet	CEFE
DISTIC	<p>Dispersion fonctionnelle ou dispersion effective chez un ectoparasite de nid des oiseaux de mer coloniaux et les conséquences éco-épidémiologiques</p> <p>Disentangling functional and effective dispersal in a nest ectoparasite of colonial seabirds and its eco-epidemiological consequences</p>	
Key words	Argasidae, tick-borne disease, Capture-recapture, vector ecology	
Abstract	<p>Le projet DistIC visait à comprendre les mouvements d'un parasite et vecteur d'agents infectieux, la tique molle <i>Ornithodoros maritimus</i>, au sein et entre les colonies de son oiseau hôte, le goéland leucopnée (<i>Larus michahellis</i>). Une étude CMR innovatrice a démontré la quasi-absence de dispersion entre les nids d'une même colonie pendant la saison de reproduction d'oiseaux. Cependant, les analyses génétiques des populations ont identifié un schéma clair d'isolement par la distance en relation avec la distance inter-nids. Les tiques se déplacent donc entre les nids, mais seulement entre les saisons de reproduction. Comme ces tiques portent divers agents infectieux, ce patron de dispersion signifie que la propagation des agents vectoriels au sein de la colonie devrait être relativement lente. A des échelles spatiales plus grandes, les mouvements des goélands, déduits par CMR, ont confirmé qu'ils se déplacent de façon très variable, mais en relation avec leur colonie d'origine ; ces mouvements peuvent entraîner des événements de transmission d'agents pathogènes sur de longues distances. Des études détaillées sur l'écologie des mouvements des goélands, combinées à des études sur la structure des pathogènes, sont maintenant nécessaires pour examiner plus en détail ces hypothèses.</p> <p>The DistIC project aimed to understand movements of a nest-based parasite and disease vector, the soft tick <i>Ornithodoros maritimus</i> within and among colonies of its seabird host, the yellow-legged gull (<i>Larus michahellis</i>). A novel CMR study demonstrated a quasi-lack of dispersal among nests within a colony during the breeding season. However, population genetic analyses identified a clear pattern of tick gene flow in relation to inter-nest distance. Ticks thus move among nests, but only between breeding seasons. As ticks carry diverse infectious agents, these patterns of tick dispersal mean that the within-colony spread of vector-borne agents should be relatively slow. However, at larger spatial scales, CMR - inferred gull movements confirmed that birds vary widely in their movements, but in relation their colony of origin; such movements may lead to long distance pathogen transmission events. Detailed studies of gull movement ecology, combined with studies of pathogen structure are now needed to further examine these hypotheses.</p>	

14:20-14:40	PI Carine Brouat	Unit CBGP
Partners	Carole Smadja	ISEM
SPEED	<p>La personnalité des souris sauvages explique-t-elle leur succès d'invasion au Sénégal ? Approches comportementales et génomiques</p> <p>Does personality explain spatial spread of invasive wild mice in Senegal? Behavioral ecology and population genomics approaches</p>	
Key words	<p>Comportement ; personnalité ; phéromones ; invasion biologique ; <i>Mus musculus domesticus</i> ; souris domestique ; génomique des populations ; Afrique</p>	
Abstract	<p>Comprendre pourquoi une population introduite devient envahissante est une question fondamentale en biologie de l'invasion. Des travaux récents suggèrent un rôle de la personnalité dans le succès de certaines espèces animales, mais cette hypothèse reste largement inexplorée en populations naturelles. Le projet SPEED visait à identifier si la personnalité et son évolution en populations naturelles expliquent l'invasion en cours de la souris sauvage <i>Mus musculus domesticus</i> au Sénégal. Un premier objectif était de tester si la personnalité des souris variait le long d'une route d'invasion, en mettant en œuvre des tests comportementaux sur le terrain. Un second objectif était de déterminer les processus évolutifs et les bases génétiques à l'origine de la variation de la personnalité sur le gradient d'invasion, via une approche de génomique des populations. Les premiers résultats obtenus suggèrent l'existence d'une variabilité comportementale au sein des populations naturelles, mais qui ne reflète pas le gradient d'invasion.</p> <p>Understanding why introduced populations become invasive is a fundamental question in invasion biology. Recent work suggests a role of personality in the success of some animal species, but this hypothesis remains largely unexplored in natural populations. SPEED aimed to identify whether personality and its evolution in natural populations explain the ongoing invasion of the house mouse <i>Mus musculus domesticus</i> in Senegal. A first objective was to test whether mouse personality varied along an invasion route, by implementing behavioural tests in the field. A second objective was to determine the evolutionary processes and the genetic bases at the origin of personality variation along the invasion gradient, using a population genomics approach. First results suggest behavioural variability in natural populations of house mice, but without a clear link to the invasion gradient.</p>	

14:40-15:00	PI Benoit Nabholz	Unit ISEM
Partners	Claire Doutrelant	CEFE
ISLAND IMMUNITY	<p>Sélection relâchée sur les gènes de l'immunité dans les populations insulaires ? Un test utilisant une approche de génomique des populations.</p> <p>Relaxed selection at immunity genes in insular populations? A test using a population genomics approach.</p>	
Key words	genetic drift, island evolution, immunity, Toll-Like Receptors, Beta-Defensins, major histocompatibility complex, molecular evolution, population genomics	
Abstract	<p>Les îles océaniques partagent plusieurs caractéristiques environnementales entraînent des changements évolutifs convergents chez les organismes insulaires. Un changement souvent supposé, mais rarement examiné, est l'évolution d'un système immunitaire plus faible chez les espèces insulaires. Un changement dans la fonction immunitaire est supposé résulter de changements dans la pression parasitaire sur les îles et de la perte de variation génétique associée à la colonisation des îles. Nous avons proposé d'étudier l'évolution du système immunitaire dans les populations insulaires en évaluant la variation de la diversité génétique au niveau des gènes immunitaires des récepteurs Toll-Like (TLR), des Beta-Defensins (BD) et des gènes du complexe majeur d'histocompatibilité (CMH), qui sont responsables de la reconnaissance d'une grande variété de pathogènes. Pour ce faire, nous utiliserons des oiseaux insulaires et leurs plus proches parents continentaux, ainsi que la technologie de séquençage de nouvelle génération, afin d'évaluer les rôles relatifs de la sélection et de la dérive dans le façonnement des modèles de variation de ces loci importants.</p> <p>Oceanic islands share several environmental characteristics that have been shown to drive convergent evolutionary changes in island organisms. One change that is often assumed, but has seldom been examined, is the evolution of weaker immune systems in island species. A change in immune function is assumed to result from changes in parasite pressure on islands and from the loss of genetic variation associated with island colonization. We proposed to study the evolution of the immune system in insular populations by evaluating how varies the genetic diversity at functional immune genes, the Toll-Like Receptors (TLR) genes, the Beta-Defensin (BD) and the Major Histocompatibility Complex (MHC) genes, that are responsible for the recognition of a wide variety of pathogens. To do so, we will use island birds and their closest mainland relatives and next-generation sequencing technology to assess the relative roles of selection and drift in shaping the patterns of variation at these important loci.</p>	

15:40-16:00	PI Zhun Mao	Unit AMAP
Partners	Isabelle Bertrand & Claude Plassard	Eco&Sols
NANJING	<p>Stratégies de cycle des nutriments associés à l'azote parmi les espèces végétales mélangées et leurs implications pour les services écosystémiques</p> <p>Nitrogen Associated Nutrient cycling strategies among Jointly growING plant species and their implications for ecosystem services</p>	
Key words	BEF, biodiversité, trait fonctionnels, cycle de l'azote, microbiologie du sol, marquage isotopique, écosystème routier	
Abstract	<p>Pour expliquer l'effet de la biodiversité sur le fonctionnement des écosystèmes (BEF), le rôle des mécanismes liés aux stratégies des plantes (ex. facilitation, complémentarité, etc.) et de leur coexistence possible reste encore peu connu. Ici, nous visons à acquérir une compréhension holistique des stratégies végétales liées au BEF qui sont les traits, les flux de nutriments et les processus microbiens en composant un gradient de richesse spécifique et de dissimilarité des traits racinaires à partir de 4 espèces herbacées utilisées dans les talus routiers. Treize modalités de 3 plantes ont été cultivées en rhizoslice, en serre, et la plante centrale marquée au 15N pour quantifier les échanges de N plante/plante. Le mélange d'espèces n'a montré aucun effet ou des effets limités sur la biomasse végétale, les traits fonctionnels, le flux de 15N entre plantes et la diversité microbienne du sol, mais des effets significatifs sur le taux de mycorrhization et la distribution spatiale des racines. La dissimilarité des traits, plutôt que la richesse spécifique, semble influencer davantage le partage des éléments nutritifs, fournissant ainsi un guide utile dans les pratiques de mélanges d'espèces.</p> <p>To explain the effect of biodiversity on ecosystem functioning (BEF), the role of mechanisms related to plant strategies (such as facilitation, effect of complementarity etc.) and their possible coexistence still remains unclear. Here, we aim to gain a holistic understanding of BEF-related plant strategies which are traits, nutrient flows and microbial processes by composing a gradient of specific richness and dissimilarity of root traits from 4 herbaceous species used in road embankments. Thirteen modalities of 3 plants were cultivated in rhizoslice, in glasshouse, with the central plant labeled with 15N to quantify the exchanges of N between plants. Species mixture showed no or limited effects on plant biomass, functional traits, 15N flux among plants and soil microbial diversity, but significant effects on mycorrhization rate and root spatial distribution. Trait dissimilarity, rather than species richness, appears to better promote nutrient-sharing, thereby providing a useful guide in species mixture practices.</p>	

16:00-16:20	PI Nicolas Mouquet	Unit MARBEC
Partners	Bernard Schatz	CEFE
BIODIFULL	Evaluer la valeur esthétique de la biodiversité Evaluating the aesthetic value of biodiversity	
Key words	Biodiversity, beauty, ecosystem services, conservation, eco-informatics	
Abstract	<p>Notre projet vise à proposer un cadre intégré pour mesurer la valeur esthétique de la biodiversité et des paysage naturel à l'aide d'une interface web partagée et des outils d'analyse associés. La valeur esthétique de la biodiversité et des paysages naturels est considérée comme un service écosystémique culturel qui contribue au bien-être humain, mais elle doit encore être intégrée dans les tentatives actuelles d'estimation des services écosystémiques. Nous avons (a) développé un site web dédié (Biodifull.org) pour l'évaluation de la valeur esthétique de la biodiversité et des paysages naturels sur la base de questionnaires photographiques ; (b) utilisé cette interface Web pour mener deux évaluations avec des poissons de récif corallien et des orchidées et (c) réalisé des analyses informatiques du contenu des images pour construire un modèle prédictif des préférences esthétiques afin de permettre l'évaluation automatique d'ensembles d'images beaucoup plus importants. Ce travail contribue à modifier notre approche culturelle de la nature et à promouvoir des politiques de conservation écologiquement orientées sur des bases scientifiques et sociologiques.</p> <p>Our project aims at proposing an integrated framework for measuring aesthetics values of biodiversity and natural landscape through a shared web interface and associated analysis tools. Aesthetic value of biodiversity and natural landscapes is considered as a cultural ecosystem service that contributes to human well-being but is yet to be integrated into current attempts to estimate ecosystem services. We (a) developed a dedicated web site (Biodifull.org) for the evaluation of aesthetic value of biodiversity and natural landscape based on photographic questionnaires; (b) used this web interface to conduct two evaluations with coral reef fishes and orchids as case studies and (c) conducted computational analyses of images content to construct a predictive model of potential aesthetic preferences for images that have not been evaluated by the public to allow assessment of much larger sets of images. We believe that our work will help to modify our cultural approach of nature and to promote ecologically oriented conservation policies based on both scientific and sociological foundations.</p>	